

Otomatisasi Pendeteksian Sel *Blast* dan Sel Metafase dengan Perangkat Lunak Pengolahan Citra Sumber Terbuka

Dwi Ramadhani

Pusat Teknologi Keselamatan dan
Metrologi Radiasi

Badan Tenaga Nuklir Nasional
(BATAN)

Jl. Lebak Bulus Raya No. 49, Kotak
Pos 7043

Jakarta Selatan 12070

Telp: (021) 7513906/ 7659511, Fax:
(021) 7657950

dwiramadhani02@gmail.com

Viria Agesti Suvifan

Pusat Teknologi Keselamatan dan
Metrologi Radiasi

Badan Tenaga Nuklir Nasional
(BATAN)

Jl. Lebak Bulus Raya No. 49, Kotak
Pos 7043

Jakarta Selatan 12070

Telp: (021) 7513906/ 7659511, Fax:
(021) 7657950

Yanti Lusiyanti

Pusat Teknologi Keselamatan dan
Metrologi Radiasi

Badan Tenaga Nuklir Nasional
(BATAN)

Jl. Lebak Bulus Raya No. 49, Kotak
Pos 7043

Jakarta Selatan 12070

Telp: (021) 7513906/ 7659511, Fax:
(021) 7657950

Abstrak—Tingkat toksisitas suatu senyawa dapat diketahui berdasarkan nilai indeks mitosis pada sel limfosit darah tepi. Analisis indeks mitosis pada umumnya dilakukan secara manual menggunakan mikroskop cahaya pada perbesaran rendah dengan mengidentifikasi sel metafase dan sel *blast* (nukleus sel interfase yang terstimulasi). Proses identifikasi sel *blast* dan sel metafase dapat dilakukan secara otomatis menggunakan perangkat lunak pengolahan citra sumber terbuka yaitu ImageJ 1.47. Program *macro* yang dapat mendeteksi secara otomatis *blast* dan sel metafase telah dibuat untuk memudahkan analisis indeks mitosis. Tujuan penelitian ini adalah mengetahui keakuratan program *macro* pada ImageJ 1.47 untuk mendeteksi secara otomatis sel *blast* dan sel metafase. Sampel darah tepi dari tiga donor berbeda dibiakkan dan dibuat preparatnya, kemudian sebanyak tiga puluh citra dari setiap donor dianalisis menggunakan program *macro* yang dibuat. Hasil penghitungan jumlah total sel *blast* dan sel metafase secara otomatis dan manual diolah secara statistik menggunakan Uji T. Taraf nyata yang digunakan (α) adalah 0,05. Hasil penelitian menunjukkan bahwa tidak terdapat perbedaan nyata antara jumlah sel *blast* dan sel metafase yang diperoleh secara otomatis dengan manual ($P = 0,69$ dan $P = 0$). Jumlah sel *blast* dan sel metafase yang dihitung secara otomatis lebih rendah (*underestimated*) dibandingkan nilai sebenarnya. Beberapa faktor yang menyebabkan hal tersebut akan dibahas secara terperinci didalam makalah. Secara keseluruhan program *macro* yang dibuat dapat digunakan untuk mendeteksi dan menghitung dengan jumlah total sel *blast* dan sel metafase, meskipun hasil yang diperoleh tidak lebih baik dari hasil penghitungan secara manual. Pengembangan lebih lanjut terhadap program *macro* atau penggunaan perangkat lunak pengolahan citra yang dikhususkan untuk bidang biologi yaitu CellProfiler 2.0 perlu dilakukan sehingga penghitungan nilai indeks mitosis dapat dilakukan secara lebih cepat dan akurat untuk mengetahui tingkat toksisitas suatu senyawa.

Kata kunci—Indeks Mitosis; Otomatisasi; Sel *blast*; Sel metafase; Perangkat Lunak

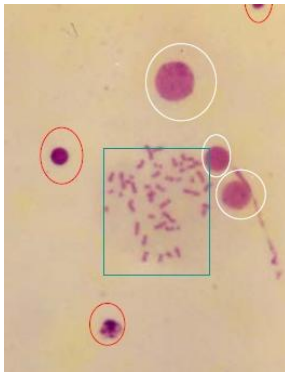
Abstract—Toxicity level of chemical compounds can be measured using mitotic index in peripheral blood lymphocytes. Mitotic index analysis was generally done manually using light microscope at low magnification by identifying metaphase cells and blast cells (stimulated interphase cells nucleus). The identification process of blast and metaphase cells can be done automatically using open source image processing analysis software which is ImageJ 1.47. Macro program that can automatically detect the blast and metaphase cells have been created to facilitate mitotic index analysis. Aim of this research was to know the accuracy of ImageJ 1.47 macro program in detecting blast and metaphase cells automatically. Peripheral blood lymphocytes from three donors were cultured and thirty images from each donor was analyzed using macro program. Total numbers of blast and metaphase cells obtained by manual and automated were compared using T-test analysis. Statistically significant level used in this research was 0.05 (5%). Results showed that there was no significant difference between manual and automatic counting ($P = 0.69$) for blast cells and ($P = 0$) for metaphase cells. The blast and metaphase cells obtained automatically were lower (*underestimated*) than the true value. Several factors that led to this finding were discussed in detail in this paper. Overall it was showed that in our experiment automated detection of blast and metaphase cells with ImageJ 1.47 macro program was comparable but not better than manual. Further development of macro program or the use of image processing software that was designed special for biology study such as CellProfiler 2.0 is needed to be done in order to get faster and accurate results for mitotic index assays.

Keywords—Automation; Blast Cells; Metaphase Cells; Mitotic Index; Software

I. PENDAHULUAN

Indeks mitosis (IM) adalah persentase sel yang berada pada proses pembelahan sel. Rendahnya nilai indeks mitosis menunjukkan penurunan pada proses pembelahan sel akibat paparan senyawa kimiawi atau agen biologis yang bersifat toksik. Indeks mitosis merupakan salah satu parameter penting dalam mengevaluasi tingkat toksisitas suatu senyawa karena mudah dilakukan serta cepat dalam menunjukkan tingkat toksisitas suatu senyawa. Analisis indeks mitosis umumnya dilakukan secara manual menggunakan mikroskop cahaya pada perbesaran rendah [1]. Analisis indeks mitosis dilakukan dengan mengidentifikasi sel metafase dan nukleus sel interfase yang terstimulasi (sel *blast*) hingga sebanyak 1000 atau 2000 sel kemudian dilakukan penghitungan persentase sel metafase yang ditemukan diantara sel *blast* (Gambar 1) [1,2].

Identifikasi sel *blast* dan sel metafase dapat dilakukan secara otomatis menggunakan perangkat lunak pengolahan citra. Sistem yang digunakan untuk mengidentifikasi secara otomatis sel *blast* dan sel metafase umumnya terdiri dari mikroskop yang dilengkapi dengan sistem penggerak meja mikroskop secara otomatis serta kamera yang terhubung dengan lensa okuler pada mikroskop dan terkoneksi dengan komputer untuk pengolahan citra digital hasil dari kamera [1].



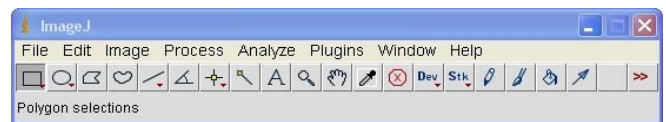
Gambar 1. Sel metafase (dalam kotak hijau) dan sel *blast* (dalam lingkaran putih) serta sel yang tidak dihitung (dalam lingkaran merah) [2].

Pengolahan citra digital saat ini memiliki peranan penting dalam penelitian biologi. Pengolahan citra digital bertujuan untuk memperbaiki kualitas citra agar mudah diinterpretasi oleh manusia atau mesin (dalam hal ini adalah komputer). Setelah kualitas citra menjadi lebih baik, dilakukan proses pengenalan pola (*pattern recognition*) untuk mengenali suatu objek tertentu di dalam citra. Pengenalan pola diawali dengan pengelompokan data numerik dan simbolik di dalam citra secara otomatis oleh komputer. Tujuan pengelompokan adalah untuk mengenali suatu objek di dalam citra. Manusia bisa mengenali objek yang dilihatnya karena otak manusia telah belajar mengklasifikasi objek-objek di alam sehingga mampu membedakan suatu objek dengan objek lainnya. Kemampuan sistem visual manusia tersebut yang dicoba ditiru oleh komputer. Komputer menerima masukan berupa citra objek

yang akan diidentifikasi, memproses citra, dan memberikan keluaran berupa deskripsi objek di dalam citra [3].

Beberapa penelitian telah dilakukan untuk mengidentifikasi secara otomatis sel metafase dan sel *blast* dalam mempermudah penghitungan nilai indeks mitosis. Penelitian oleh Corkidi *dkk.* menggunakan konsep tingkat kekasaran (*roughness feature*) untuk menentukan secara otomatis sel metafase dan sel *blast* [4]. Penelitian lainnya oleh Cosio *dkk.* menggunakan sistem pengolahan citra serta jaringan saraf tiruan (*artificial neural networks*) untuk mengenali sel metafase dan sel *blast* [1].

Umumnya penelitian yang dilakukan menggunakan perangkat lunak pengolahan citra digital komersial serta tidak mudah untuk digunakan oleh peneliti bidang biologi. Oleh karena itu perlu dikembangkan metode pendeteksian sel *blast* dan sel metafase menggunakan perangkat lunak pengolahan citra yang bersifat *open source* serta mudah digunakan. Salah satu perangkat lunak yang dapat digunakan untuk pendeteksian sel metafase dan sel *blast* secara otomatis adalah ImageJ 1.47 yang dikembangkan dalam bahasa Java sehingga dapat digunakan pada semua sistem operasi komputer. ImageJ dikembangkan oleh *Research Services Branch* (RSB), *National Institute of Health* (NIH), Bethesda, Maryland, USA (Gambar 2) [5,6]. Tujuan penelitian yang dilakukan adalah untuk mendeteksi secara otomatis sel *blast* dan sel metafase dengan menggunakan ImageJ 1.47. Hasil yang diperoleh secara otomatis akan dibandingkan dengan hasil secara manual untuk mengetahui keakuratan pendeteksian sel *blast* dan sel metafase.



Gambar 2. Tampilan antar muka ImageJ 1.47 [5].

II. BAHAN DAN METODE

2.1 PREPARAT SEL LIMFOSIT DARAH TEPI

Sebanyak enam preparat sel limfosit darah tepi dari tiga donor yang berbeda diperoleh dari Laboratorium Sitogenetik Pusat Teknologi Keselamatan dan Metrologi Radiasi (PTKMR) BATAN. Secara singkat pembuatan preparat dilakukan dengan melakukan kultur sel limfosit darah tepi terlebih dahulu secara *in vitro*. Sel limfosit darah tepi distimulasi untuk melakukan pembelahan mitosis dengan bantuan protein mitogen dan pembelahan dihentikan pada tahap metafase dalam siklus sel dengan pemberian senyawa penghambat mitosis sehingga kromosom dapat diamati menggunakan mikroskop.

2.2 PENGAMBILAN CITRA DIGITAL SEL METAFASE DAN SEL BLAST

Preparat diamati pada perbesaran 200 X menggunakan mikroskop cahaya Nikon BIOPHOT dengan lensa objektif Nikon Plan 20X DL dan dilengkapi kamera digital *Single Lens Reflect* (DSLR) Nikon D3000. Sebanyak tiga puluh citra digital dari dua preparat setiap donor diambil dan disimpan dalam komputer.

2.3 ANALISIS CITRA DIGITAL

Perangkat lunak ImageJ 1.47 digunakan untuk menganalisa citra digital dengan membuat program *macro* yang dapat mengidentifikasi secara otomatis sel metafase dan sel *blast*. *Macro* adalah baris-baris kode pemrograman yang berisi perintah untuk menentukan masukan dan keluaran dalam bahasa pemrograman tertentu. *Macro* tersebut terdiri dari beberapa tahapan untuk mengidentifikasi secara otomatis sel metafase dan sel *blast*, sebagai berikut.

2.3.1. Pendeteksian Sel Blast

Proses pendeteksian sel *blast* dilakukan dengan terlebih dahulu memperbaiki citra digital berwarna, kemudian selanjutnya mengkonversi citra digital berwarna menjadi citra kelabu (*grayscale*) dengan tujuan agar objek di dalam citra dapat dipisahkan dengan objek lainnya melalui proses pengambangan (*thresholding*).

Proses pengambangan dilakukan untuk mendeteksi sel *blast* pada citra kelabu dan akan menghasilkan citra biner. Citra biner adalah citra digital yang hanya memiliki dua kemungkinan nilai *pixel* yaitu umumnya adalah hitam dan putih, serta disebut sebagai citra monokrom. Terkadang pada citra biner area yang menunjukkan sel *blast* memiliki bagian berwarna putih pada bagian tengah sehingga perlu dilakukan proses *hole filling*. Proses segmentasi kemudian dilakukan untuk memisahkan area yang saling bersentuhan atau tumpang tindih (*overlapping*). Proses akhir adalah melakukan proses seleksi untuk menentukan sel *blast* berdasarkan ukuran dan nilai *circularity*.

2.3.2. Pendeteksian Sel Metafase

Proses pendeteksian sel metafase dilakukan dengan menggunakan citra biner yang telah diperoleh dari proses pendeteksian sel *blast* yang telah tersegmentasi. Untuk mendeteksi sel metafase terlebih dahulu dilakukan pendeteksian terhadap kromosom di dalam sel metafase dengan melakukan proses seleksi untuk menentukan kromosom berdasarkan ukuran dan nilai *circularity*. Setelah berhasil dilakukan pendeteksian kromosom perlu dilakukan penggabungan kromosom menjadi satu sehingga menunjukkan satu sel metafase. Proses penggabungan dilakukan dengan proses *Enlarge*.

2.3.3. Pembuatan *macro* pada ImageJ 1.47

Proses perbaikan citra digital berwarna dilakukan dengan fungsi *Background Subtraction* yang dilanjutkan dengan proses peningkatan kontras citra menggunakan fungsi *Enhance Contrast* pada perangkat lunak ImageJ 1.47. Proses selanjutnya penggunaan fungsi *run("8-bit")* untuk mengkonversi citra menjadi citra 8 bit agar dapat dilakukan proses pengambangan (*thresholding*) dengan fungsi

setAutoThreshold. Proses segmentasi kemudian dilakukan untuk memisahkan objek yang tumpang tindih atau berdekatan pada objek hasil proses pengambangan. Metode segmentasi yang digunakan adalah metode *watershed*.

Proses selanjutnya adalah proses pendeteksian sel *blast* dengan menggunakan fungsi *Analyze Particles* pada ImageJ. Objek dideteksi sebagai sel *blast* apabila berukuran lebih dari $80 \mu\text{m}^2$ dan memiliki nilai *circularity* antara 0,75 hingga 1,00. Setelah pendeteksian sel *blast* selesai dilakukan selanjutnya dilakukan proses pendeteksian kromosom pada sel metafase dengan menggunakan fungsi yang sama yaitu *Analyze Particles*. Objek dideteksi sebagai kromosom apabila memiliki ukuran lebih dari 2 hingga $10 \mu\text{m}^2$ dan memiliki nilai *circularity* antara 0,00 hingga 1,00. Kromosom yang terdeteksi kemudian disatukan untuk mendapatkan satu sel metafase yang utuh dengan menggunakan fungsi *Enlarge*. Secara detail *script* pada *macro* yang digunakan untuk mengidentifikasi secara otomatis sel metafase dan sel *blast* dapat dilihat pada gambar 3. Program *macro* yang telah dibuat dapat dijalankan secara otomatis pada perangkat lunak ImageJ 1.47 untuk mendeteksi sel *blast* dan sel metafase pada citra digital.

```
rename("1.jpg");
run("Duplicate...", "title=1-1.jpg");
run("Subtract Background...", "rolling=100 light sliding");
run("Enhance Contrast...", "saturated=0.2");
run("8-bit");
setAutoThreshold("Minimum");
run("Convert to Mask");
run("Fill Holes");
run("Close");
run("Watershed");
run("Analyze Particles...", "size=80-Infinity circularity=0.75-1.00 show=Outlines summarize");
imageCalculator("AND", "1.jpg", "Drawing of 1-1.jpg");
selectWindow("Drawing of 1-1.jpg");
close();
run("Analyze Particles...", "size=2-10 circularity=0.00-1.00 show=Masks");
run("Create Selection");
run("Enlarge...", "enlarge=10");
run("Fill", "white");
run("Analyze Particles...", "size=1000-Infinity circularity=0.00-1 show=Outlines summarize");
imageCalculator("AND", "1.jpg", "Drawing of Mask of 1-1.jpg");
selectWindow("Drawing of Mask of 1-1.jpg");
close();
selectWindow("Mask of 1-1.jpg");
close();
selectWindow("1-1.jpg");
close();
```

Gambar 3. *Macro* pada ImageJ 1.47

2.4. PENGOLAHAN DATA STATISTIK

Hasil penghitungan jumlah total sel *blast* dan sel metafase secara otomatis dan manual diolah secara statistik menggunakan Uji T dengan hipotesis H_0 adalah tidak terdapat perbedaan secara nyata hasil yang diperoleh secara otomatis dibandingkan dengan secara manual. Taraf nyata yang digunakan (α) adalah 0,05.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

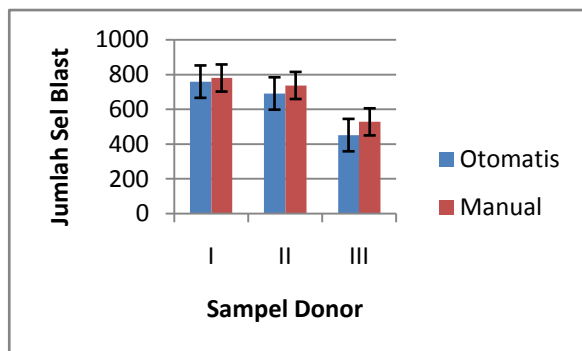
Hasil penghitungan jumlah total sel metafase serta sel *blast* secara otomatis dan manual dari 90 citra ditampilkan pada Tabel 1. Jumlah total sel *blast* yang diperoleh secara otomatis pada 90 citra dari tiga preparat berbeda adalah sebesar 1902, sedangkan secara manual adalah 2045. Jumlah total sel metafase yang diperoleh secara otomatis adalah 144, sedangkan secara manual adalah 161. Hasil penelitian menunjukkan jumlah sel *blast* dan sel metafase hasil penghitungan secara otomatis cenderung lebih rendah (*underestimated*) dibandingkan nilai sebenarnya (Gambar 4 dan 5).

TABEL I. HASIL PENGHITUNGAN JUMLAH TOTAL SEL METAFASE SERTA SEL BLAST SECARA OTOMATIS DAN MANUAL DARI 90 CITRA

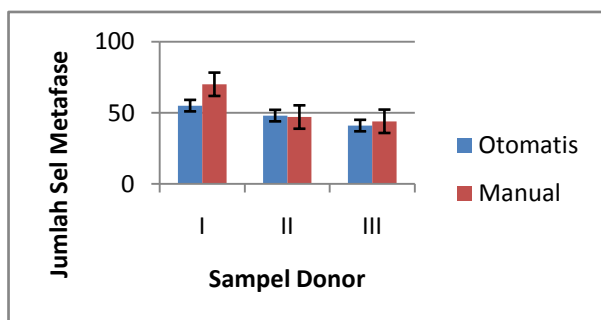
	Otomatis	Manual
Jumlah sel <i>blast</i>	1902	2045
Jumlah sel metafase	144	161

Analisis statistik menggunakan uji T terhadap hasil penghitungan jumlah total sel metafase dan sel *blast* secara otomatis dibandingkan dengan manual menunjukkan tidak terdapat perbedaan secara nyata antara hasil yang diperoleh secara otomatis dibandingkan dengan manual ($P=0,005$ dan $P=0$) dari ketiga sampel. Jumlah sel *blast* yang diperoleh secara otomatis cenderung lebih rendah (*underestimated*) dibandingkan dengan hasil secara manual.

Hal tersebut kemungkinan karena disebabkan beberapa faktor. Pertama adalah terdapat beberapa sel *blast* yang memiliki nilai intensitas warna *pixel* lebih rendah dari sel *blast* yang lain sehingga proses pengambangan yang dilakukan gagal mendeteksi keberadaan sel *blast* tersebut (Gambar 6a dan 6b). Penelitian Corkidi *dkk.* memperlihatkan fenomena yang sama yaitu kegagalan pendeteksian sel *blast* dengan proses pengambangan karena lebih terang dibandingkan dengan yang lain. Sel *blast* yang lebih terang menunjukkan nilai intensitas warna *pixel* yang lebih rendah.



Gambar 4. Histogram perbandingan hasil jumlah sel *blast* otomatis dan manual



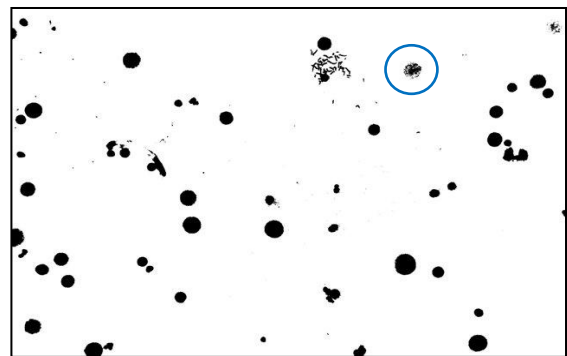
Gambar 5. Histogram perbandingan hasil jumlah sel metafase otomatis dan manual

Faktor kedua adalah terdapat beberapa sel *blast* yang berdekatan dengan pengotor (*artifacts*) sehingga memiliki nilai *circularity* kurang dari 0,75 dan gagal dideteksi oleh *macro*.

Meskipun jumlah sel *blast* yang diperoleh secara otomatis cenderung lebih rendah (*underestimated*) dibandingkan dengan hasil secara manual, pada beberapa citra jumlah sel *blast* hasil penghitungan secara otomatis lebih tinggi dari manual. Faktor yang menyebabkan hal tersebut kemungkinan adalah terdapat pengotor (*artifacts*) yang juga diidentifikasi sebagai sel *blast* karena memiliki luas area lebih dari $80 \mu\text{m}^2$ serta nilai *circularity* lebih dari 0,75.



Gambar 6a. Sel *blast* yang memiliki nilai intensitas warna *pixel* rendah (dalam lingkaran)



Gambar 6b. Hasil proses pengambangan pada sel *blast* yang memiliki nilai intensitas warna *pixel* rendah tidak berlangsung sempurna (dalam lingkaran)

Hasil penghitungan sel metafase secara otomatis juga cenderung lebih rendah dibandingkan dengan hasil penghitungan secara manual. Faktor yang dapat menyebabkan hal tersebut antara lain adalah terdapat dua sel metafase yang saling berdekatan sehingga proses *Enlarge* menyatukan kedua metafase tersebut sebagai satu objek dan dihitung sebagai satu sel metafase (Gambar 7). Faktor lainnya adalah ukuran kromosom di dalam sel metafase yang sangat bervariasi. Ukuran kromosom terkadang sangat kecil sehingga tidak terdeteksi dengan proses pengambangan serta tidak dihitung sebagai sel metafase.

Seperti halnya sel *blast*, meskipun jumlah sel metafase yang diperoleh secara otomatis cenderung lebih rendah (*underestimated*) dibandingkan dengan hasil secara manual, pada beberapa citra menunjukkan hal sebaliknya. Hal tersebut dikarenakan terdapat pengotor yang saling berdekatan dan memiliki luas 2 hingga $10 \mu\text{m}^2$ dengan nilai *circularity* lebih dari 0 hingga 1. Hal tersebut menyebabkan pengotor juga

terdeteksi sebagai kromosom dan dihitung sebagai satu sel metafase (Gambar 8).

Keberadaan pengotor (*artifacts*) yang dideteksi sebagai sel metafase juga terjadi pada penelitian Alvarado *dkk* [3]. Alvarado *dkk* menyatakan bahwa pengotor dengan tekstur dan luas bervariasi merupakan penyebab utama kesalahan pendeteksian pengotor sebagai metafase (*false positives*). Terlebih kemungkinan pengotor terdapat di dalam preparat cukup tinggi, meskipun umumnya pengotor memiliki luas area yang lebih kecil dibandingkan dengan luas sel metafase sehingga mudah untuk dieliminasi pada proses pendeteksian sel metafase.

Penelitian yang dilakukan menunjukkan persentase keberhasilan pendeteksian sel metafase adalah sebesar 89%. Nilai tersebut masih lebih rendah bila dibandingkan dengan penelitian yang dilakukan oleh Cosio *dkk.*[1] dan Alvarado *dkk.* [7], namun lebih tinggi bila dibandingkan dengan hasil penelitian yang dilakukan oleh Corkidi *dkk.* [1] (Tabel 2). Untuk nilai persentase keberhasilan pendeteksian sel sel *blast* dengan benar, pada penelitian yang dilakukan nilai yang diperoleh lebih tinggi bila dibandingkan dengan hasil penelitian Corkidi *dkk.* [4].

TABEL II. PERBANDINGAN PERSENTASE KEBERHASILAN PENDETEKSIAN SEL METAFASE DAN SEL BLAST DENGAN PENELITIAN LAIN

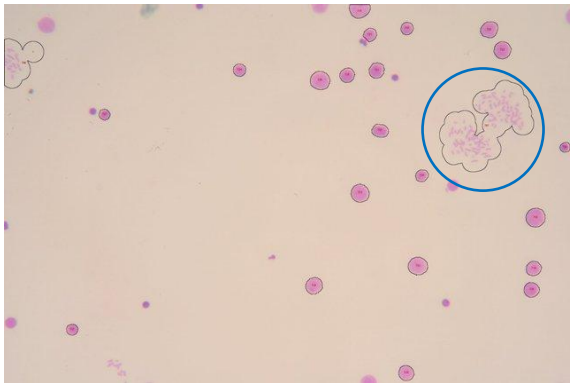
Penelitian	Keberhasilan pendeteksian sel metafase (%)	Keberhasilan pendeteksian sel <i>blast</i> (%)
Corkidi <i>dkk.</i> [4]	84	87
Cosio <i>dkk.</i> [1]	91,8	Tidak ada
Alvarado <i>dkk.</i> [7]	96	Tidak ada
Penelitian ini	89	93

Meskipun nilai persentase keberhasilan pendeteksian sel metafase menggunakan program *macro* pada perangkat lunak ImageJ 1.47 yang telah dibuat lebih rendah dari nilai yang diperoleh pada penelitian yang dilakukan oleh Cosio *dkk.* [1] dan Alvarado *dkk.* [7], program *macro* yang dibuat memiliki kelebihan karena perangkat lunak ImageJ 1.47 merupakan perangkat lunak pengolahan citra yang dapat diperoleh secara bebas. Selain itu perubahan pada program *macro* dapat dengan mudah dilakukan untuk disesuaikan dengan kondisi preparat yang diperoleh.

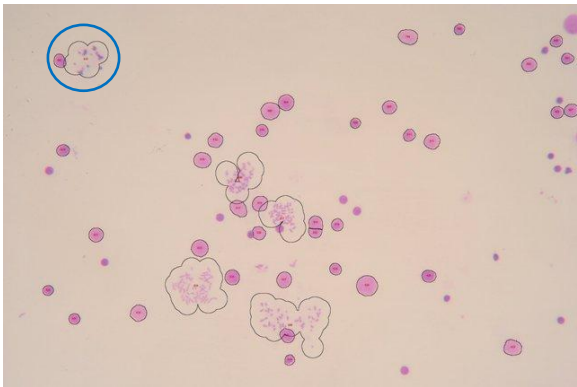
Waktu yang dibutuhkan oleh program *macro* untuk mengidentifikasi sel *blast* dan sel metafase pada satu citra adalah selama sepuluh detik. Hal tersebut sebanding dengan waktu yang dibutuhkan secara manual yaitu sembilan hingga sebelas detik bergantung pada individu yang melakukan analisis. Berbeda dengan analisis secara manual, pada identifikasi sel *blast* dan sel metafase secara otomatis waktu yang dibutuhkan untuk semua citra akan sama tidak ada perbedaan. Oleh karena hal tersebut maka analisis secara otomatis lebih unggul dibandingkan dengan manual dalam sisi lamanya waktu yang dibutuhkan untuk mengidentifikasi sel *blast* dan sel metafase.

Pengembangan lebih lanjut terhadap program *macro* yang telah dibuat perlu dilakukan. Penggunaan perangkat lunak pengolahan citra khusus untuk bidang biologi CellProfiler 2.0 untuk mengidentifikasi secara otomatis sel *blast* dan sel

metafase perlu dilakukan, karena CellProfiler memiliki fungsi untuk menjalankan perangkat lunak ImageJ terlebih dahulu kemudian hasil yang diperoleh dapat secara otomatis dianalisis menggunakan CellProfiler 2.0 [8,9].



Gambar 7. Dua sel metafase yang saling berdekatan dan dihitung sebagai satu sel metafase (dalam lingkaran)



Gambar 8. Pengotor yang saling berdekatan dan dihitung sebagai satu sel metafase (dalam lingkaran)

IV. KESIMPULAN

Program *macro* untuk pendeteksian otomatis sel *blast* dan sel metafase pada perangkat lunak pengolahan citra ImageJ 1.47 telah berhasil di buat dan dapat digunakan meskipun hasil penghitungan yang diperoleh tidak lebih baik dari hasil penghitungan secara manual. Diharapkan pengembangan lebih lanjut terhadap program *macro* atau penggunaan perangkat lunak pengolahan citra yang dikhususkan untuk bidang biologi perlu dilakukan pada penelitian selanjutnya untuk meningkatkan keakuratan pendeteksian otomatis sel *blast* dan sel metafase. Peningkatan dalam segi waktu pendeteksian secara otomatis juga perlu dilakukan sehingga penghitungan nilai indek mitosis dapat dilakukan dengan lebih cepat dan akurat.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] F.A. Cosio, L. Vega, A.H. Becerra, R.P. Melendez, dan G. Corkidi, "Automatic identification of metaphase spreads and nuclei using neural networks," *Medical & Biological Engineering & Computing*, Vol. 39, pp 391-396, 2001.
- [2] International Atomic Energy Agency, *Cytogenetic Dosimetry: Applications in Preparedness for and Response to Radiation Emergencies*. IAEA: Vienna, 2011.
- [3] R. Munir, *Pengolahan Citra Digital Dengan Pendekatan Algoritmik*. Informatika, Bandung, 2004.
- [4] G. Corkidi, L. Vega, J. Marquez, E. Rojas, dan P.O. Wegman, "Roughness feature of metaphase chromosome spreads and nuclei for automated cell proliferation analysis," *Med. Biol. Eng. Comput.* Vol. 36, pp 679-685, 1998.
- [5] T.J. Collins, "ImageJ for microscopy," *BioTechniques*. 43: S25-S30, 2007.
- [6] F. Papadopolus, M. Spinelli, S. Valente, L. Foroni, C. Orrico dan F. Alviano, "Common Tasks in Microscopic and Ultrastructural Image Analysis Using ImageJ," *Ultrastructural Pathology*, Vol 31, pp 401–407, 2007.
- [7] L. Vega, I.J. Marquez, dan G. Corkidi, "Inter-chromosome texture as a feature for automatic identification of metaphase spreads," *Med. Biol. Eng. Comput.* Vol 40, pp 479-484, 2002.
- [8] A.E. Carpenter, T.R. Jones, M.R. Lamprecht, C. Clarke, I.H. Kang, O. Friman, D.A. Guertin, J.H. Chang, R.A. Lindquist, J. Moffat, P. Golland dan D.M. Sabatini. "CellProfiler: image analysis software for identifying and quantifying cell phenotypes," *Genome Biology*, 7:R100, 2006.
- [9] M.R. Lamprecht, D.M. Sabatini dan A.E. Carpenter, "CellProfiler: free, versatile software for automated biological image analysis," *Biotechniques*, Vol 42 No 1, pp 71-75, 2007.